

Seleção Entre e Dentro de Progenies de Meios-irmãos de Cajueiro Via REML/BLUP



***Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária
Embrapa Agroindústria Tropical
Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento***

**BOLETIM DE PESQUISA
E DESENVOLVIMENTO
198**

**Seleção Entre e Dentro de Progenies de
Meios-irmãos de Cajueiro Via REML/BLUP**

Dheyne Silva Melo
Júlio César do Vale Silva
Ingrid Pinheiro Machado
Francisco das Chagas Vidal Neto
Levi de Moura Barros

***Embrapa Agroindústria Tropical
Fortaleza, CE
2020***

Unidade responsável pelo conteúdo e edição:

Embrapa Agroindústria Tropical
Rua Dra. Sara Mesquita 2270, Pici
CEP 60511-110 Fortaleza, CE
Fone: (85) 3391-7100
Fax: (85) 3391-7109
www.embrapa.br/agroindustria-tropical
www.embrapa.br/fale-conosco

Comitê Local de Publicações
da Embrapa Agroindústria Tropical

Presidente
Gustavo Adolfo Saavedra Pinto

Secretária-executiva
Celli Rodrigues Muniz

Secretária-administrativa
Eveline de Castro Menezes

Membros
*Marlos Alves Bezerra, Ana Cristina Portugal
Pinto de Carvalho, Deborah dos Santos Garruti,
Dheyne Silva Melo, Ana Iraidy Santa Brígida,
Eliana Sousa Ximendes*

Supervisão editorial
Ana Elísa Galvão Sidrim

Revisão de texto
José Cesamildo Cruz Magalhães

Normalização bibliográfica
Rita de Cassia Costa Cid

Projeto gráfico da coleção
Carlos Eduardo Felice Barbeiro

Editoração eletrônica
José Cesamildo Cruz Magalhães

Foto da capa
Luiz Augusto Lopes Serrano

1ª edição
On-line (2020)

Todos os direitos reservados.

A reprodução não autorizada desta publicação, no todo ou em parte,
constitui violação dos direitos autorais (Lei nº 9.610).

Dados Internacionais de Catalogação na Publicação (CIP)
Embrapa Agroindústria Tropical

Seleção entre e dentro de progênies de meios-irmãos de cajueiro via REML/BLUP / Dheyne Silva Melo...
[et al.]. – Fortaleza: Embrapa Agroindústria Tropical, 2020.

21 p. : il. ; 16 cm x 22 cm – (Boletim de Pesquisa e Desenvolvimento / Embrapa Agroindústria Tropical,
ISSN 1679-6543; 198).

Publicação disponibilizada on-line no formato PDF.

1. *Anacardium occidentale*. 2. Melhoramento genético. 3. Índice de seleção genético. I. Melo, Dheyne Silva.
II. Silva, Júlio César do Vale. III. Machado, Ingrid Pinheiro. IV. Vidal Neto, Francisco das Chagas. V. Barros,
Levi de Moura. VI. Série.

CDD 634.573

Sumário

Resumo.....4

Abstract.....6

Introdução.....7

Material e Métodos.....8

Resultados e Discussão.....11

Conclusões.....19

Referências.....19

Seleção Entre e Dentro de Progenies de Meios-irmãos de Cajueiro Via REML/BLUP

Dheyne Silva Melo¹

Júlio César do Vale Silva²

Ingrid Pinheiro Machado³

Francisco das Chagas Vidal Neto⁴

Levi de Moura Barros⁵

Resumo - A estratégia para a obtenção de clones no programa de melhoramento genético do cajueiro da Embrapa Agroindústria Tropical é avaliar tanto genótipos prospectados em pomares comerciais quanto indivíduos selecionados via melhoramento populacional. Assim, o objetivo do trabalho foi identificar progenies de meios-irmãos e indivíduos agronomicamente superiores, dentro das progenies, para subsidiar a etapa posterior do programa. O experimento foi instalado em março de 2005, em delineamento de blocos casualizados, com duas repetições e quatro plantas por parcela. As avaliações foram feitas entre 2010 e 2014 para os seguintes caracteres: produtividade de castanhas; massa média de castanha; porcentagem de castanhas furadas; e reação da castanha ao oídio, causado pelo fungo (*Erysiphe quercicola* S. Takam & U. Braun). Para a obtenção dos componentes de variância e das estimativas dos parâmetros genéticos, foi empregado o método REML/BLUP. O posterior ordenamento foi realizado a partir de um índice de seleção genético (ISG), para a seleção das melhores progenies e dos melhores indivíduos dentro das progenies. Considerando-se

¹ Engenheiro-agrônomo, doutor em Melhoramento Genético de Plantas, pesquisador da Embrapa Agroindústria Tropical, Fortaleza, CE

² Engenheiro-agrônomo, doutor em Fitotecnia, professor da Universidade Federal do Ceará, Fortaleza, CE

³ Engenheira-agrônoma, mestra em Fitotecnia, doutoranda da Universidade Federal do Ceará, Fortaleza, CE

⁴ Engenheiro-agrônomo, doutor em Fitotecnia, pesquisador da Embrapa Agroindústria Tropical, Fortaleza, CE

⁵ Engenheiro-agrônomo, doutor em Melhoramento Genético de Plantas, pesquisador da Embrapa Agroindústria Tropical, Fortaleza, CE

o ISG, as progênies 33, 1, 14, 36 e 32 e os indivíduos 1363, 2333, 1144, 1291, 1142, 1331, 1334, 2132, 112, 1352 e 111 se destacaram agronomicamente, sendo os genótipos recomendados para a clonagem, de forma a subsidiar a etapa posterior do programa de melhoramento do cajueiro.

Termos para indexação: *Anacardium occidentale* L., melhoramento populacional, índice de seleção genético.

Selection Between and Within Half-sibling Progenies of Cashew Tree by REML/BLUP

Abstract - The Embrapa strategy in the cashew genetic program for obtaining new clones consists in: evaluation of genotypes obtained from: 1) prospection in commercial orchards; and 2) selection into plant populations kept at the Pacajus Experimental Field – Embrapa, Ceará State. The objective of this work was to identify progenies of half-sib and genotypes with favorable agronomic characteristics in these populations to subsidize the later stage of the program. The experiment was installed in March 2005 in a randomized block design with two replicates and four plants per plot. The plants were evaluated from 2010 to 2014 for the following characters: nut yield, nut average mass, damaged nut percentage, and nut reaction to powdery mildew (*Erysiphe quercicola* S. Takam & U. Braun). The data were analyzed by the REML / BLUP method and the variance components utilized to estimates the genetic parameters that were ordered based on a genetic selection index (ISG) to select the best progenies and the best individuals within the progenies based on the characters evaluated simultaneously. Considering the ISGs, the progenies of half-sib 33, 1, 14, 36 and 32 and the individuals 1363, 2333, 1144, 1291, 1142, 1331, 1334, 2132, 112, 1352 and 111 stand out by the agronomic characteristics and the best genotypes were cloned to subsidize the later stage of the cashew breeding program.

Index terms: *Anacardium occidentale* L., population improvement, genetic selection index.

Introdução

O programa de melhoramento do cajueiro da Embrapa Agroindústria Tropical tem como meta fornecer ao mercado cultivares (clones) com elevado potencial agrônomico. A estratégia para a obtenção desses clones é tanto avaliar genótipos prospectados em pomares comerciais quanto indivíduos selecionados via melhoramento populacional (progenies de meios-irmãos e irmãos completos).

Para que a seleção dentro dessas populações seja bem sucedida, a existência de variabilidade genética e a eficiência do método de seleção adotado são indispensáveis. Nesse sentido, o teste de progenies de meios-irmãos é o mais empregado, tanto pela maior facilidade na execução, pois as progenies correspondem à descendência de polinização livre de uma planta (Paterniani; Campos, 2005), quanto por proporcionar maior representatividade alélica na descendência resultante. Apesar disso, nem sempre os ganhos são satisfatórios, pois como só há controle parental materno, muitos indivíduos agronomicamente inferiores podem acabar contribuindo gameticamente para a formação dos descendentes.

Outro problema que dificulta a experimentação com progenies em culturas perenes está associado ao desbalanceamento de dados. Nesses casos, a análise de variância conduz a estimativas imprecisas de componentes de variância e, conseqüentemente, a predições pouco precisas de valores genéticos (Sturion; Resende, 2010). Assim, o método dos quadrados mínimos (MQM) para a obtenção das estimativas dos componentes de variância não é o que melhor se adequa, justificando o uso de métodos mais robustos para prever os valores genéticos e, por conseqüência, estimar os parâmetros genéticos (Silva et al., 2011).

O procedimento analítico padrão recomendado atualmente para os estudos em genética quantitativa voltados à prática da seleção em plantas perenes envolve a estimação dos componentes de variância por máxima verossimilhança restrita (REML) e a predição dos valores genéticos pela melhor predição linear não viciada (BLUP), também denominada de metodologia de modelos mistos (Sturion; Resende, 2010).

Na REML/BLUP, a estimação dos componentes de variância e a predição dos valores genéticos podem ser feitas por efeitos aleatórios em concordância

aos efeitos fixos, assim como com desajustes de informações nas parcelas. Isso porque são embasadas em modelos lineares compostos por matrizes de incidência, tanto de efeitos fixos como de aleatórios, impedindo que a inversão da matriz de estimativas forneça infinitas soluções. Além disso, minimiza os efeitos de dados desbalanceados, ponderando-os pela quantidade disponível para cada genótipo, fazendo o BLUP mais eficiente do que as estimativas obtidas via MQM (Silva; Vidal Neto; DoVale, 2017).

A aplicação de modelos mistos no melhoramento de plantas perenes vem apresentando bons resultados, como em eucalipto (Costa et al., 2015) e cafeeiro (Pereira et al., 2013), obtendo-se boas estimativas de parâmetros genéticos, proporcionando maiores precisões nas seleções entre e dentro de progênies. Maia et al. (2009) e Cavalcanti e Resende (2010) são exemplos da aplicação dos modelos mistos no cajueiro. Devido às suas características de precisão e robustez e ao sucesso alcançado por esses autores, a metodologia REML/BLUP está sendo utilizada no programa de melhoramento do cajueiro.

Complementarmente, utiliza-se o índice de seleção genético (ISG) com o intuito de deixar o processo seletivo mais eficiente (Cruz; Regazzi; Carneiro, 2004). O ISG é constituído por combinações lineares das medidas de diversos caracteres, o que permite a avaliação de todas as informações disponíveis simultaneamente. Ademais, possibilita atribuir pesos diferentes aos caracteres estudados e valoriza atributos considerados de maior importância pelo melhorista, minimizando problemas na seleção de genótipos com desempenho satisfatório apenas para um ou outro caráter (Falconer, 1987).

Diante do exposto, este trabalho objetivou identificar progênies de meios-irmãos e indivíduos agronomicamente superiores dentro destas progênies para subsidiar a etapa posterior do programa de melhoramento genético do cajueiro.

Material e Métodos

O experimento foi conduzido no Campo Experimental de Pacajus (CEP), pertencente à Embrapa Agroindústria Tropical, localizado no município de Pacajus, CE, nas coordenadas geográficas 4°10'22" de latitude e 38°27'39" de longitude, a uma altura de 60 m do nível do mar. O solo da área experimental

é um Podzólico Vermelho Amarelo Tb Eutrófico A fraco, com textura arenosa média. O clima é do tipo seco/subúmido, segundo a classificação climática de Thornthwaite. Tem uma precipitação pluvial média de 1.100 mm/ano e temperatura média anual de 26,5 °C.

O material genético utilizado no estudo foi constituído de 49 progenies de meios-irmãos provenientes da semeadura de sementes de polinização livre oriundas de coletas realizadas nos municípios de Beberibe e Cruz (CE), Serra do Mel (RN), Araguaína (TO) e Belém (PA).

O experimento foi instalado em março de 2005, em regime de sequeiro. O delineamento experimental utilizado foi o de blocos casualizados com duas repetições, com quatro plantas compondo cada parcela. Nessa área, foi realizada gradagem, com posterior abertura das covas, cujas dimensões foram de 40 cm x 40 cm x 40 cm, em um espaçamento de oito metros entre linhas e seis metros entre plantas. Os tratos culturais aplicados no experimento ao longo dos anos de desenvolvimento das plantas obedeceram às recomendações técnicas para a cultura do cajueiro (Serrano; Oliveira, 2013). O manejo de pragas e doenças não foi realizado, possibilitando a avaliação da reação dos genótipos aos respectivos ataques.

Caracteres avaliados

As plantas que constituíram cada uma das 49 progenies de meios-irmãos tiveram os seguintes caracteres agronômicos avaliados entre 2010 e 2014: a) produtividade de castanhas (PROD em kg ha⁻¹): soma da massa de castanhas colhidas em cada planta no decorrer de todo o ciclo produtivo de cada safra, com extrapolação dos valores obtidos para a produção por hectare; b) massa média de castanha (MMC em gramas): mensuração da massa de uma amostra composta por 100 castanhas coletadas de cada planta, com posterior obtenção da média aritmética; c) porcentagem de castanhas furadas (PCF em %): contagem de castanhas furadas em consequência do ataque da traça-das-castanhas em uma amostra de 100 unidades; d) reação da castanha ao oídio (RCO em escala de notas): mensurada por uma escala subjetiva de notas de severidade da doença, variando de 0 a 4, de acordo com o aumento da severidade do oídio nas castanhas.

Análises de deviance e componentes de variância

Na análise de modelos mistos, os efeitos do modelo não são testados via teste F , assim como se faz no método da análise de variância. Nesse caso, para os efeitos aleatórios, o recomendado é o teste da razão de verossimilhança (LRT), em que um quadro similar ao da análise de variância é elaborado e denominado por Análise de Deviance (ANADEV), estabelecida pelos seguintes passos (Fritsche-Neto et al., 2012): i) obtenção do ponto de máximo do logaritmo da função de verossimilhança residual (Log L) para modelos com e sem o efeito a ser testado; ii) obtenção da deviance $D = -2 \text{ Log L}$ para modelos com e sem o efeito a ser testado; iii) cálculo da diferença entre as deviances para modelos com e sem o efeito a ser testado, obtendo-se a razão de verossimilhança (LR); e iv) teste, via LRT, da significância dessa diferença, utilizando-se o teste qui-quadrado com 1 grau de liberdade.

Para a obtenção dos componentes de variância e das estimativas dos parâmetros genéticos, submeteram-se os dados à análise por meio do método REML/BLUP, conforme descrito por Resende (2002). Para isso, procederam-se às análises conjuntas, considerando-se o seguinte modelo:

$$y = Xr + Zg + Wp + Ti + e$$

em que: y é o vetor das médias fenotípicas dos acessos; r é o vetor dos efeitos de repetição dentro de cada safra avaliada (assumidos como fixos), somados à média geral; g é o vetor dos efeitos genotípicos (assumidos como aleatórios), em que $g \sim N(0, G)$, sendo $G = I\sigma_g^2$; p é o vetor dos efeitos de parcela; i é o vetor da interação genótipos x safras (assumidos como aleatórios), em que $i \sim N(0, I_{ge})$, sendo $I_{ge} = I\sigma_{ge}^2$; e é o vetor de erros, sendo que $e \sim N(0, R)$ e $R = I\sigma_e^2$; X , Z , W e T são matrizes de incidência que relacionam, respectivamente, os efeitos de r , g , p e i ao vetor y .

Para a resolução das equações de modelos mistos e a obtenção dos valores genéticos, os componentes de variância genéticos e não genéticos foram assumidos desconhecidos. Estes foram estimados pelo método REML, utilizando-se o pacote estatístico computacional SELEGEM-REML/BLUP (Resende, 2007).

Correlações entre safras

Visando conhecer a correlação entre o desempenho das progênes ao longo das safras avaliadas, foram estimados os coeficientes de correlação (r_{saf}) entre os ranqueamentos das progênes para um mesmo caráter nos cinco anos. Para isso, utilizou-se o coeficiente de correlação de postos de Spearman (ρ), obtido pela seguinte expressão: $\rho = \frac{1-6\sum d_i^2}{n(n^2-1)}$, em que d_i^2 é a diferença entre o posto de cada valor correspondente em cada safra, e n é o número de pares de valores.

Índice de seleção genético (ISG)

Para ordenar e selecionar as melhores progênes, como também os melhores indivíduos dentro das progênes com base nos caracteres avaliados simultaneamente, foi utilizado um ISG estabelecido para o programa de melhoramento do cajueiro. Esse índice leva em consideração o peso econômico para cada um dos caracteres avaliados e os BLUP's médios.

$$ISG = 0,5x_1 + 0,2x_2 - 0,2x_3 - 0,1x_4 = \sum b_i x_i$$

em que: ISG é o índice calculado para cada progêne/indivíduo; b_i é o peso do caráter i ; x_i é o valor do BLUP para o caráter i . Os valores de b foram estabelecidos de acordo com os objetivos da seleção para o programa de melhoramento do cajueiro, sendo para PROD = 0,5; MMC = 0,2; PCF = 0,2; e RCO = 0,1.

Resultados e Discussão

O efeito entre e dentro de progênes mostrou-se significativo para os caracteres produtividade de castanhas, massa média de castanha e reação a oídio (Tabela 1). Isso significa que, no conjunto de progênes estudado, há variabilidade genética que pode ser explorada tanto entre como dentro para esses caracteres. Provavelmente, será possível identificar progênes superiores e, dentro destas, indicar indivíduos com potencial para a geração de novos clones.

O efeito da interação progênes x safras (G x E) foi não significativo para todos os caracteres estudados (Tabela 1). Dessa forma, pode-se inferir que as progênes de cajueiro se comportaram semelhantemente entre as safras avaliadas, não havendo, assim, comportamento diferenciando entre os meios-irmãos. Esse resultado é comprovado pelos elevados valores de r_{saf} , evidenciando comportamento constante entre as progênes durante os cinco anos de avaliação. Valores de r_{saf} baixos mostram inconsistência e provável alternância no ordenamento (*ranking*) entre genótipos ao longo dos ambientes avaliados (DoVale et al., 2013) e consiste em um complicador para os programas de melhoramento, dificultando tanto a seleção quanto a recomendação de cultivares. Logo, os resultados observados no presente trabalho permitem afirmar que aquelas progênes que apresentaram

Tabela 1. Valores do teste de razão de verossimilhança (LRT) para os efeitos da variação entre e dentro de progênes e da interação G x E (progênes por safras), estimativas dos parâmetros genético-estatísticos, correlação do desempenho das progênes entre safras (r_{saf}), herdabilidades médias entre e dentro de progênes (h^2_{ep} e h^2_{dp}), média geral e acurácia ao nível de progênie, obtidos em 49 progênes de meios-irmãos de cajueiro. Pacajus, CE, 2018.

Efeitos	PROD ²	MMC	PCF	RCO
Progênie ¹				
Entre	133,52**	585,35**	0,19	88,38**
Dentro	10,89**	6,97**	0,42	3,87*
Interação G x E ¹	0,01	0,06	0,13	-0,07
r_{saf}	0,99	0,99	0,83	0,97
h^2_{ep}	0,87	0,97	0,74	0,81
h^2_{dp}	0,51	0,43	0,32	0,64
Média	490,92	9,78	5,15	2,08
Acurácia	0,93	0,98	0,79	0,89

¹ Valores obtidos pelo teste da razão de verossimilhança (*Likelihood Ratio Test* – LRT). ** significativo para $p < 0,01$ e * significativo para $p < 0,05$ pelo teste do λ^2 com 1 grau de liberdade. ² PROD – Produtividade de castanhas; MMC – Massa média de castanha; PCF – Porcentagem de castanhas furadas; RCO – Reação da castanha ao oídio.

comportamento superior no primeiro ano mantiveram o mesmo comportamento ao longo dos demais. Essa condição é favorável à seleção precoce de genótipos ou à exclusão imediata daqueles inferiores, permitindo concentrar os recursos físicos, humanos e financeiros nos que exibem algum potencial agrônomo (Machado et al., 2004).

As herdabilidades entre e dentro de progênes, com valores de média a alta magnitude (Tabela 1), reiteram que grande porção da variação detectada entre e dentro das progênes é de natureza genética. Essa condição é adequada tanto na fase de seleção de indivíduos como no final do programa de melhoramento no qual se deseja recomendar genótipos para o plantio comercial. As acurácias seletivas ao nível de progênes comprovam que as estimativas obtidas no presente estudo são altamente confiáveis e remetem à certeza de que os melhores indivíduos podem ser identificados, levando aos maiores ganhos genéticos (Pimentel et al., 2014).

Com base no índice de seleção genético (ISG), construído com o intuito de identificar progênes promissoras para obtenção de indivíduos com mérito agrônomo, constatou-se que a progênie 33 foi a melhor entre aquelas avaliadas (Tabela 2). O escore gerado para essa progênie superou em quase 30% o escore da segunda ranqueada, a progênie 1. É muito provável que dentro dessas progênes sejam identificados indivíduos com elevado desempenho e que atendam às exigências do mercado. Pelos BLUP's, verifica-se que a progênie 33 apresenta, em geral, altos efeitos genéticos aditivos para a produção de castanhas e efeitos que tendem a reduzir o percentual de castanhas furadas, provavelmente por dificultar ou inibir a ação da praga. Contudo, apresenta valores aditivos que diminuem a massa média das castanhas e alelos que condicionam maior susceptibilidade ao oídio (Tabela 2).

Por outro lado, a progênie 14 exibe combinações alélicas (efeitos aditivos) interessantes para um genótipo (Tabela 2). É bem verdade que apresenta efeitos que reduzem em 33% a produtividade de castanhas, mas em contrapartida porta alelos que aumentam a massa média das castanhas, reduzem o percentual de castanhas furadas e aumentam os níveis de tolerância ao oídio.

Tabela 2. Efeitos gênicos aditivos (BLUP's) e índices de seleção genético (ISG) preditos em 49 progênies de meios-irmãos de cajueiro. Pacajus, CE, 2018.

Progênie	PROD ¹	MMC	PCF	RCO	ISG
33	1019,530	-1,568	-0,293	0,714	509,439
1	721,262	4,127	-0,133	0,386	361,445
14	684,425	3,487	-0,241	-0,367	342,995
36	634,282	-0,715	-0,160	-0,209	317,051
32	504,817	-0,347	-0,298	0,087	252,390
29	486,080	0,182	-0,039	0,454	243,039
35	433,470	1,015	-0,227	0,118	216,971
6	366,472	2,036	0,194	-0,465	183,651
13	328,446	1,863	0,510	0,604	164,433
15	312,518	5,858	0,012	0,136	157,415
49	281,852	-0,930	-0,151	0,322	140,738
31	263,550	-0,029	-0,187	1,455	131,661
37	243,380	0,199	-0,095	0,752	121,674
12	240,331	1,849	-0,246	-0,187	120,603
30	205,978	1,143	-0,066	0,441	103,187
8	199,071	1,978	0,040	0,380	99,885
38	167,724	2,501	-0,124	-0,347	84,422
44	46,809	6,495	-0,249	-0,104	24,764
20	47,524	-2,914	0,030	0,042	23,169
18	24,646	1,749	0,067	-0,498	12,709
11	23,009	1,531	0,082	0,519	11,742
39	11,457	4,499	-0,182	-0,098	6,675
10	0,086	3,414	2,652	-0,112	0,206
22	2,449	-6,380	0,018	-0,370	-0,018
24	-5,786	-3,924	0,178	0,476	-3,761
23	-22,294	-3,491	-0,133	-0,352	-11,784
27	-40,209	-4,046	0,221	0,573	-21,015

Continuação da Tabela 2.

Progênie	PROD ¹	MMC	PCF	RCO	ISG
42	-52,342	-3,237	-0,087	0,299	-26,831
34	-66,165	0,911	-0,219	0,678	-32,924
40	-97,359	-0,112	-0,015	-0,057	-48,693
47	-114,601	-0,890	0,073	-0,306	-57,462
28	-188,334	-1,196	0,079	-0,869	-94,335
21	-212,016	-6,263	0,198	-0,364	-107,264
5	-228,461	0,132	0,000	-0,035	-114,201
3	-245,957	-1,391	-0,156	-0,402	-123,185
2	-259,231	-2,397	0,150	0,572	-130,182
9	-285,659	2,126	-0,046	0,095	-142,405
41	-297,900	-3,517	-0,077	-0,611	-149,577
48	-342,227	0,166	0,158	0,111	-171,123
16	-345,794	5,090	-0,201	-0,580	-171,781
25	-350,345	-0,190	-0,101	-0,073	-175,183
43	-364,964	-2,594	-0,294	0,488	-182,991
19	-437,942	2,200	-0,117	0,218	-218,529
46	-442,068	-5,509	-0,215	-0,333	-222,059
26	-543,843	-5,960	-0,129	-0,883	-272,999
45	-566,336	-4,239	-0,287	-0,635	-283,895
17	-570,524	5,076	0,282	-0,535	-284,250
7	-577,300	1,960	-0,041	-0,937	-288,156
4	-591,512	0,252	-0,133	-0,191	-295,660

¹ PROD – Produtividade de castanhas; MMC – Massa média de castanha; PCF – Porcentagem de castanhas furadas; RCO – Reação da castanha ao oídio; ISG – Índice de seleção genético.

Mais da metade das progênies apresentou escores negativos obtidos com o ISG (Tabela 2). Isso demonstra que com os BLUP's é possível, além de identificar progênies com potencial, eliminar aquelas que têm predominância de efeitos gênicos aditivos desfavoráveis. Entretanto, mesmo que a progênie não apresente alto escore, efeitos aditivos podem ser considerados pontualmente e, assim, ajudar na escolha de genitores para compor o esquema de cruzamentos no melhoramento desses caracteres. Por exemplo, as progênies 7, 26 e 28 devem conter alelos que interferem no mecanismo de infecção do fungo que causa o oídio e, assim, podem ser utilizadas em cruzamentos com indivíduos que apresentam efeitos aditivos favoráveis para produtividade e massa média das castanhas.

Outro aspecto interessante é que as progênies 33, 1 e 14, com maiores valores de ISG (Tabela 2), foram originadas a partir da coleta de sementes de plantas identificadas em diferentes regiões de cultivo do cajueiro, com matrizes localizadas nos municípios de Cruz (CE), Beberibe (CE) e Serra do Mel (RN), respectivamente, mostrando a importância de se inserir mais variabilidade genética no programa de melhoramento.

Com o índice de seleção genético (ISG), utilizado para identificar as progênies de maior potencial, foram obtidos escores ao nível de indivíduos com BLUP's médios, ranqueando-se as 30 melhores plantas (Tabela 3). O melhor entre todos os avaliados com base no ISG foi o indivíduo 1363, localizado no bloco 1, dentro da progênie 36, planta 3. Seu escore foi 18,9% maior do que o do indivíduo 2333, classificado como o segundo melhor. Notou-se, ainda, que esse escore foi bastante inflacionado pelos efeitos aditivos relacionados à produtividade. Por outro lado, verificou-se que o indivíduo 2333 apresenta melhor distribuição de efeitos aditivos, combinando alta concentração favorável de alelos não só para produtividade, mas para massa média da castanha, percentual de castanhas furadas e reação ao oídio. Vale salientar que esse indivíduo pertence à progênie 33, melhor ranqueada entre as progênies (Tabela 2).

Tabela 3. BLUP's médios dos 30 indivíduos melhor ranqueados com base no índice de seleção genético, considerando-se o desempenho de 49 progênes de meios-irmãos de cajueiro. Pacajus, CE, 2018.

Bloco	Progênie	Planta	Indivíduo	ISG'	BLUP's médios			
					PROD	PMC	% CF	RCO
1	36	3	1363	556,570	1116,150	-7,467	-0,077	0,271
2	33	3	2333	451,530	902,542	1,156	-0,154	0,032
1	14	4	1144	442,550	886,779	-4,422	-0,137	-0,175
1	29	1	1291	438,695	875,374	5,141	-0,024	0,255
1	14	2	1142	435,231	866,922	8,734	-0,137	0,040
1	33	1	1331	416,426	832,810	0,111	-0,162	0,337
1	33	4	1334	411,436	823,434	-1,472	-0,167	0,194
2	13	2	2132	409,864	820,443	-1,198	0,341	0,498
1	1	2	112	389,123	775,730	6,224	-0,080	0,033
1	35	2	1352	369,936	738,518	3,208	-0,122	-0,102
1	1	1	111	363,249	727,407	-2,324	-0,086	0,068
1	6	2	162	321,100	642,623	-1,153	0,081	-0,348
2	33	4	2334	316,442	634,173	-2,967	-0,153	0,817
1	32	2	1322	307,424	614,549	0,459	-0,148	-0,279
2	29	3	2293	298,015	596,744	-1,603	0,003	0,352
1	6	3	163	295,110	591,189	-2,490	0,143	-0,419

Continuação da Tabela 3.

Bloco	Progênie	Planta	Indivíduo	ISG ¹	BLUP's médios			
					PROD	PMC	% CF	RCO
1	32	1	1321	292,004	584,006	-0,080	-0,159	0,149
1	1	3	113	287,175	574,855	-1,146	-0,059	0,354
2	36	2	2362	284,737	569,233	0,524	-0,087	0,018
1	49	1	1491	273,056	545,339	2,019	-0,094	0,356
1	31	3	1313	264,508	529,851	-1,663	-0,114	1,078
1	22	3	1223	255,048	510,454	-0,876	0,011	0,010
2	27	1	2271	251,413	504,455	-3,509	0,113	0,900
1	12	3	1123	241,827	484,334	-1,739	-0,139	0,198
2	30	1	2301	229,827	460,677	-2,443	-0,040	0,309
1	11	3	1113	228,424	458,183	-3,064	0,030	0,485
2	15	2	2152	218,833	434,380	8,443	-0,006	0,463
2	1	3	213	209,461	419,099	-0,222	-0,073	0,588
1	33	2	1332	201,287	402,308	0,922	-0,160	0,837
2	36	3	2363	198,482	398,205	-3,309	-0,070	-0,268
Médias				321,959	644,026	-0,207	-0,058	0,235

¹ISG – Índice de seleção genético; PROD – Produtividade de castanhas; MMC – Massa média de castanha; PCF – Porcentagem de castanhas furadas; RCO – Reação da castanha ao oídio.

Dos 30 melhores indivíduos, cinco (16,7%) foram selecionados a partir da progênie 33 (Tabela 3), demonstrando mais uma vez a capacidade dessa planta matriz, localizada no município de Cruz (CE), como fonte de extração de boas progênies. Essa informação é extremamente interessante, mostrando a necessidade da clonagem dessa matriz para incorporação ao Banco Ativo de Germoplasma da Embrapa Agroindústria Tropical.

Os indivíduos 1363, 2333, 1144, 1291, 1142, 1331, 1334, 2132, 112, 1352 e 111 se destacaram dentre os 30 selecionados (Tabela 3), com valores de ISG superiores à média (321,959), sendo os mais recomendados para a clonagem, visando à instalação de experimentos de competição de clones ao nível local.

Conclusões

Considerando-se os índices de seleção genéticos, as progênies de meios-irmãos 33, 1, 14, 36 e 32 e os indivíduos 1363, 2333, 1144, 1291, 1142, 1331, 1334, 2132, 112, 1352 e 111 se destacam por reunirem simultaneamente as melhores características agrônômicas, sendo os últimos recomendados para a clonagem, subsidiando a etapa posterior do programa de melhoramento genético do cajueiro.

Referências

- CAVALCANTI, J. J. V.; RESENDE, M. D. V. de. Seleção precoce intensiva: uma nova estratégia para o programa de melhoramento genético do cajueiro. **Revista Brasileira de Fruticultura**, Jaboticabal, v. 32, n. 4, p. 1279-1284, 2010.
- COSTA, R. B.; MARTINEZ, D. T.; SILVA, J. C.; ALMEIDA, B. C. Variabilidade e ganhos genéticos com diferentes métodos de seleção em progênies de *Eucalyptus camaldulensis*. **Revista de Ciências Agrárias**, Belém, v. 58, n. 1, p. 69-74, jan./mar. 2015.
- CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 3. ed. Viçosa, MG: Editora da UFV, 2004. 480 p.
- DOVALE, J. C.; MAIA, C.; FRITSCHÉ-NETO, R.; MIRANDA, G. V.; CAVATTE, P. C. Genetic responses of traits relationship to components of nitrogen and phosphorus use efficiency in maize. **Acta Scientiarum Agronomy**, Maringá, v. 35, p. 31-38, 2013.

FALCONER, D. S. **Introdução à genética quantitativa**. Viçosa, MG: Editora da UFV, 1987. 279 p.

FRITSCHÉ-NETO, R.; RESENDE, M. D. V. de; MIRANDA, G. V.; DOVALE, J. C. Seleção genômica ampla e novos métodos de melhoramento do milho. **Revista Ceres**, Viçosa, MG, v. 59, p. 794-802, 2012.

MACHADO, C. T. de T.; MACHADO, A. T.; FURLANI, A. M. C. Variação intrapopulacional em milho para características relacionadas com a eficiência de absorção e utilização de fósforo. **Revista Brasileira de Milho e Sorgo**, Sete Lagoas, v. 3, p. 77-91, 2004.

MAIA, M. C. C.; RESENDE, M. D. V. de; PAIVA, J. R.; CAVALCANTI, J. J. V. Seleção simultânea para produção, adaptabilidade e estabilidade genotípicas em clones de cajueiro, via modelos mistos. **Pesquisa Agropecuária Tropical**, Goiânia, v. 39, n. 1, p. 43-50, jan./mar. 2009.

PATERNIANI, E.; CAMPOS, M. S. Melhoramento do milho. In: BORÉM, A. (Ed.). **Melhoramento de espécies cultivadas**. Viçosa, MG: Editora da UFV, 2005. p. 491-552.

PEREIRA, T. B.; MENDES, A. N. G.; BOTELHO, C. E.; REZENDE, J. C.; VILELA, D. J. M.; RESENDE, M. D. V. de. Seleção de progênes F4 de cafeeiros obtidas de cultivares do grupo Icatu. **Coffee Science**, Lavras, v. 8, n. 3, p. 337-346, jul./set. 2013.

PIMENTEL, A. J. B.; GUIMARÃES, J. F. R.; SOUZA, M. A. de; RESENDE, M. D. V. de; MOURA, L. M.; CARVALHO, J. R. do A. S. de; RIBEIRO, G. Estimação de parâmetros genéticos e predição de valor genético aditivo de trigo utilizando modelos mistos. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília-DF, v. 49, p. 882-890, 2014.

RESENDE, M. D. V. de. **Genética biométrica e estatística no melhoramento de plantas perenes**. Brasília, DF: Embrapa Informação Tecnológica. 975 p. 2002.

RESENDE, M. D. V. de. **SELEGEN-REML/BLUP**: sistema estatístico e seleção genética computadorizada via modelos lineares mistos. Colombo: Embrapa Florestas, 2007.

SERRANO, L. A. L.; OLIVEIRA, V. H. de. Aspectos botânicos, fenologia e manejo de cultura do cajueiro. In: ARAÚJO, J. P. P. de (Ed.). **Agronegócio caju**: práticas e inovações. Brasília, DF: Embrapa, 2013. parte 2, cap. 3, p. 77-165.

SILVA, J. M.; AGUIAR, A. V.; MORI, E. S.; MORAES, M. L. T. Variação genética e ganho esperado na seleção de progênes de *Pinus caribaea* var. *caribaea* em Selvíria, MS. **Scientia Forestalis**, Piracicaba, v. 39, n. 90, p. 241-252, jun. 2011.

SILVA, T. P.; VIDAL NETO, F. C.; DOVALE, J. C. Prediction of genetic gains with selection between and within S2 progenies of papaya using the REML/Blup analysis. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília-DF, v. 52, n. 12, 1167-1177, 2017.

STURION, J. A.; RESENDE, M. D. V. de. Avaliação genética e análise de deviance em um teste desbalanceado de procedência e progênie de *Ilex paraguariensis*. **Pesquisa Florestal Brasileira**, Colombo, v. 30, p. 157-160, maio/jul. 2010.



Agroindústria Tropical



MINISTÉRIO DA
AGRICULTURA, PECUÁRIA
E ABASTECIMENTO



PÁTRIA AMADA
BRASIL
GOVERNO FEDERAL